

## Um modelo de propagação de doenças baseado em um autômato celular configurado com dados geoespaciais

Wellington de L. Barreto<sup>1</sup>, Cassio de Lima Quiroga<sup>2</sup>, Pedro H. T. Schimit<sup>3</sup>  
 Universidade Nove de Julho, São Paulo, SP

Modelos de populações baseados em autômatos celulares (AC) são frequentemente usados em problemas de dispersão de doenças, sendo também usado no estudo da COVID-19 [1]. O objetivo deste trabalho é propôr um modelo populacional baseado em autômatos celulares [1, 2] em que cada célula do autômato representa uma sub-população delimitada por um espaço geográfico determinado pelos setores censitários do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE) [3]. De acordo com o instituto, um setor censitário é “a menor porção de área utilizada pelo IBGE para planejar, coletar e disseminar os resultados dos Censos e Pesquisas Estatísticas”.

O autômato celular usado neste trabalho é definido como uma tupla  $(G, Q, f)$ , em que  $G = (V, E)$  representa o grafo formado pelos setores censitários que são os nós  $i$  do conjunto  $V$  de tamanho  $N_V$ , com  $i \in V$ ,  $0 \leq i \leq N_V$ , e quando dois setores tem um limite territorial, uma aresta os conectam, sendo  $E$  o conjunto de arestas. O conjunto dos estados discretos e finitos do autômato é representado por  $Q = \{S, I, R\}$ , em que  $S$ ,  $I$  e  $R$  representam os estados do modelo epidemiológico que será descrito adiante. Por fim,  $f$  é uma função local de transição  $s_i^t = f(i, s_1^{t-1}, \dots, s_{N_V}^{t-1})$ , com  $s_i^t$  sendo o estado da célula (setor)  $i$  no instante de tempo  $t$ .

Os estados são descritos a partir das seguintes equações  $N_i^t = \sum s_i^t$  e  $s_i^t = (S_i^t, I_i^t, R_i^t)$ , em que  $S_i^t$ ,  $I_i^t$ , e  $R_i^t$  são a quantidade de indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados no instante  $t$  na célula  $i$ , e  $N_i$  sendo a população total da célula. A notação do modelo foi baseada no trabalho de Medrek e Pastuszak [1].

O modelo epidemiológico é baseado no modelo SIR, de Kermack-McKendric [2], com Suscetíveis, Infectados e Recuperados representando os estados que cada indivíduo pode assumir nos estágios da doença. Dentro de uma célula, a equação de diferenças que governa a evolução dos estados é dada por:

$$\begin{aligned} S_i^t &= S_i^{t-1} - aS_i^{t-1}I_i^{t-1} + cI_i^{t-1} + eR_i^{t-1} \\ I_i^t &= I_i^{t-1} + aS_i^{t-1}I_i^{t-1} - (b+c)I_i^{t-1} \\ R_i^t &= R_i^{t-1} + bI_i^{t-1} - eR_i^{t-1}, \end{aligned} \quad (1)$$

em que  $a$  é a taxa constante de infectividade de indivíduos suscetíveis,  $b$  é a taxa constante de cura de indivíduos infectados,  $c$  é a taxa constante de morte causada pela doença, e  $e$  é a taxa constante de morte por outras causas. Note que infectados e recuperados, quando morrem, dão lugar a indivíduos suscetíveis, mantendo a população constante.

Os dados geoespaciais são obtidos através do software QGIS [4] para a cidade de Piquete, em São Paulo. Com os dados do IBGE do último censo (2010), tem-se 23 setores censitários. O setor com maior população tem 1094 pessoas, e o de menor, 12. A população total da cidade é de  $\sum N_i = 14017$ . Além da população, usa-se o espalhamento espacial dos setores censitários para se formar o grafo de setores  $G$ . Quando há um limite entre dois setores, indivíduos podem trocar de setores, como será mostrado adiante.

Uma simulação ocorre da seguinte maneira: definido o grafo de setores  $G$ , sorteia-se um setor onde serão colocados os primeiros casos da doença. Sorteado o setor  $j$ , as condições iniciais são

<sup>1</sup>wellington.barreto@uni9.edu.br

<sup>2</sup>cassio@quiroga.net.br

<sup>3</sup>schimit@uni9.pro.br

$S_j^0 = N_j^0 \times 0,95$ ,  $I_j^0 = N_j^0 \times 0,05$ , e  $R_j^0 = 0$ . Para todos os outros setores  $i$ , tem-se  $S_i^0 = N_i^0$ ,  $I_i^0 = 0$ , e  $R_i^0 = 0$ . Nesse momento, a movimentação entre setores ocorre, e se dá da seguinte forma: se há aresta entre dois nós do grafo  $G$ , considera-se que uma quantidade  $\theta$  de indivíduos proporcional à menor população entre as células é trocada entre as cidades. Os indivíduos são escolhidos aleatoriamente. Após a movimentação entre todas as arestas possíveis, os valores do passo de tempo seguinte para  $S_i^t$ ,  $I_i^t$ , e  $R_i^t$  são calculados a partir da Equação 1 para todas as células. Isso se repete por  $t_s$  passos de tempo.

Os dados epidemiológicos são baseados na COVID-19. Usando o método apresentado por Schimit e Monteiro [2] com dados em Medrek e Pastuszak [1], e considerando um passo de tempo como um dia, a taxa constante de cura é dada por  $b = 1/14$ . A taxa constante de morte pela doença é  $c = 0,005$ . Para a morte natural, se um indivíduo da população vive em média 78 anos,  $e = 1/(78 \times 365)$ . Os primeiros testes usam uma estimativa para a taxa de infectividade com  $a = 0,00013$ . Além disso, considera-se  $\theta = 0,05$  e  $t_s = 100$  dias. O resultado da simulação é apresentado na Figura 1. Após 100 dias, a cidade de Piquete apresentou 102 casos de COVID-19 e 2 mortes. Em nossa simulação, esses totais foram de 126 casos de COVID-19 e 5 mortes. Na figura, os setores censitários com mais mortes são aqueles mais populosos, sendo próximos ao centro da cidade.



Figura 1: Mapa de Piquete com a distribuição de mortes pela COVID-19 na simulação.

Os resultados mostram que o modelo pode ser considerado como uma alternativa para simular e avaliar o espalhamento espacial de casos em uma cidade. O presente estudo ainda será expandido para avaliar a dinâmica do modelo em termos de equilíbrio do sistema, e melhor ajuste dos parâmetros epidemiológicos e de movimentação de indivíduos entre os setores censitários.

## Agradecimentos

WLB agradece o apoio financeiro da CAPES por meio do processo #88887.690818/2022-00. PHTS agradece o apoio do CNPq por meio do processo #421779/2022-5.

## Referências

- [1] M. Medrek e Z. Pastuszak. “Numerical simulation of the novel coronavirus spreading”. Em: **Expert systems with applications** 166 (2021), p. 114109. DOI: 10.1016/j.eswa.2020.114109.
- [2] P. H. T. Schimit e L. H. A. Monteiro. “On the basic reproduction number and the topological properties of the contact network: An epidemiological study in mainly locally connected cellular automata”. Em: **Ecological modelling** 220 (2009), pp. 1034–1042. DOI: 10.1016/j.ecolmodel.2009.01.014.
- [3] **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. Online. Acessado em 25/02/2023, <https://www.ibge.gov.br/>.
- [4] **QGIS Geographic Information System**. Online. Acessado em 28/02/2023, <https://www.qgis.org>.